

ملاحظات وقوانين RNA
2022

يا حيُ يا قيوم برحمتك أستغيث أصلح لى شأنى كله

ولا تكلنى الى نفسى طرفة عين



ملاحظات علي RNA

١- عدد أنواع الأحماض الأمينية التي تدخل في تركيب البروتين = ٢٠

٢- عدد أنواع الأحماض الأمينية التي توجد في أجسام الكائنات الحية أكبر من ٢٠

٣- عدد أنواع الأحماض الأمينية التي تدخل في تكوينها مجموعة الألكيل (R) =١٩

٤ - الحمض الأميني الوحيد الذي لا يحتوي علي مجموعة الألكيل هو الجلايسين

٥- الرابطة التي تنشأ بين الأحماض الأمينية الرابطة الببتيدية

٦- عدد الروابط الببتيدية = عدد الأحماض الامينية -١

٧- عدد الأحماض الامينية = عدد الروابط الببتيدية +١

٨- يسمي تفاعل تكوين الرابط الببتيدية بـ التفاعل النازع للماء

٩- عدد جزيئات الماء المنزوعة = عدد الروابط الببتيدية

١٠- الرابطة الهيدروجينية هي التي تكسب البروتين شكله المميز

١١- عدد أنواع الروابط الكيميائية بالجسم المضاد =٤ أنواع (تساهمية - ببتيدية - هيدروجينية - كبريتيدية ثنائية)

١٢- الكروموسوم لا يحتوي علي يوراسيل - سكر ريبوز

١٣- تتابع لا يُنسخ ولا ُيترجم (المحفز)

١٤- تتابع يُنسخ ولا يُترجم (كودونات الوقف)

١٥- تتابع يُنسخ ويُترجم (اي تتابع يمثل شفرة لحمض أميني مثل AUG)

١٦ - عملية التضاعف عملية كلية شاملة DNA ⟵ DNA

١٧- عملية النسخ عملية جزئية DNA ⟵ RNA

١٨- عملية الترجمة في أوليات النواة أسرع منها في حقيقيات النواة

١٩- أي ترجمة (تخليق البروتين) تتم في السيتوبلازم

٢٠ – عدد أنواع إنزيمات البلمرة في أوليات النواة = ٢ (1 DNA + 1 RNA)

٢١- عدد أنواع إنزيمات البلمرة في حقيقيات النواة = ٤(1 DNA + 3 RNA)

٢٢- mRNA يحتوي علي ٤ مواقع مهمه (موقع الارتباط بالريبوسوم - كودون البدء - كودون الوقف - ذيل عديد الأدينين)

٢٣- ينتقل إنزيم البلمرة من السيتوبلازم إلي النواة

٢٤- مصنع إنتاج البروتين هو الريبوسوم

٢٥- الريبوسوم كيميائياً = ٤ أنواع rRNA + ٧٠ نوع عديد ببتيد

٢٦- نستنتج من (٢٤،٢٥) أن كل من البروتين والريبوسوم يشتركان في بناء كل منهما الآخر

٢٧- مكان تكوين الريبوسوم في النوية , مكان عمل الريبوسوم في السيتوبلازم

٢٨- عدد نُسخ جينات rRNA = يزيد عن ٦٠٠ نسخه

٢٩- عدد نُسخ جينات tRNA = تجمعات من (٧ : ٨) جينات علي نفس الجزئ

٣٠- عدد نيوكليوتيدات الشفرة الوراثية = ٣

٣١- عدد نيوكليوتيدات موقع التعارف = (٤:٧) نيوكليوتيدات

٣٢- موقع الببتيديل يحتوي علي إنزيمات منشطة للتفاعل

٣٣- موقع الأمينو أسيل تتم فيه عملية ربط الأحماض الأمينية

٣٤- عندما يكون الريبوسوم غير قائماً بعمله في انتاج البروتين تنفصل تحت وحدة الريبوسوم الكبيرة عن تحت وحدة الريبوسوم الصغيرة

٣٥- الحمض الأميني له اكثر من شفره له أكثر من tRNA

٣٦- لكل حمض أميني tRNA خاص به يتعرف عليه وينقله

٣٧- عدد أنواع tRNA = عدد أنواع شفرات الأحماض الأمينية = ٦١ شفرةtRNA

٣٨- tRNA يحتوي علي موقعين هامين هما (موقع الإرتباط بالحمض الأميني CCA , مضاد الكودون)

٣٩- الشفرة DNA ⟵ TAC

٤٠- الكودون mRNA ⟵ AUG

٤١- مضاد الكودون tRNA ⟵ UAC

٤٢- tRNA له شكل عام في جميع الكائنات الحية

٤٣- عدد جزيئات tRNA التى تتعرف علي كودونات البدء = ١

٤٤- عدد جزيئات tRNA التى تتعرف علي كودونات الوقف = صفر

٤٥- عدد الشفرات الوراثية = ٦٤

٤٦- عدد شفرات الأحماض الأمينية = ٦١

٤٧- جميع الأحماض الأمينية لها أكثر من شفرة ماعدا الميثيونين له شفرة واحدة

٤٨- الإرتباط بين tRNA و mRNA ارتباط مؤقت

٤٩- يتحدد نوع الحمض الأميني الذي يرتبط بجزئ tRNA علي أساس مضاد الكودون علي tRNA

٥٠- ينتقل الحمض الأميني إلي الريبوسوم ليدخل في سلسلة عديد الببتيد علي أساس الكودونmRNA

٥١- ترتيب النيوكليوتيدات علي mRNA يدل علي ترتيب الأحماض الأمينية في البروتين

٥٢- ترتبط وحدة ريبوسوم صغيرة بـ mRNA في بداية تخليق البروتين بمقدار ٢ كودون = ٦ نيوكليوتيدات عند الطرف -5

٥٣- يتحرك الريبوسوم بمقدار ١ كودون = ٣ نيوكليوتيدات

٥٤- الذي يرتبط بكودون الوقف هو عامل الإطلاق

٥٥- اتصال جزئ mRNA واحد بعدد من الريبوسومات قد يصل أحيانا إلي ١٠٠ ريبوسوم يسمي عديد الريبوسوم

٥٦- تتوقف شدة الإلتصاق بين الشريطين علي درجة التكامل بين تتابعات قواعدهما النيتروجينية

٥٧- يمكن قياس شدة الألتصاق بين الشريطين بمقدار درجة الحرارة اللازمة للفصل بينهما (تناسب طردي)

٥٨- ثبات DNA في ازدواجه

٥٩- عند رفع درجة حرارة DNA إلي ١٠٠ تتكون اشرطة مفردة غير ثابتة

٦٠- يستدل علي وجود الجين ومعرفة كميته بالسرعة التي تتكون بها اللوالب المزدوجة الهجينة المشعة

٦١- مصدر إنزيمات القطع البكتيرية هي بعض الكائنات الدقيقة مثل البكتريا

٦٢- عدد أنواع إنزيمات القطع يزيد عن ٢٥٠ إنزيم

٦٣- البكتريا التي تفرز انزيمات القطع لابد ان تفرز قبلها انزيمات معدلة لحماية DNA الخاص بها

٦٤- الإنزيمات المعدلة تعمل علي إضافة مجموعة ميثيل (CH_3)علي DNA البكتيري

٦٥- شرط موقع التعرف أن يكون تتابع القواعد النيتروجينية علي شريطي DNA هو نفسه عندما يقرأ التتابع علي كل شريط في الإتجاه -3

٦٦- توجد شفرة إنزيم النسخ العكسي في الفيروسات التي محتواها الجيني RNa

٦٧- إنزيم النسخ العكسي يعمل علي بناء شريط DNA من mRNA

٦٨- إنزيم القطع يترك أطرافا لاصقة مائلة لذا تستخدم في عملية الاستنساخ

٦٩- PCR يحتوي علي تاك بوليميريز يعمل عند درجة حرارة مرتفعة لاستنساخ جزئ DNA

٧٠ - أول بروتين تم إنتاجه بتقنية DNA معاد الإتحاد هو الأنسولين البشري

٧١- تمكن أحد الباحثين من إدخال ١٥ جيناً بشرياً إلي داخل خلايا بكتيرية

٧٢- استخدم DNA معاد الإتحاد في الزراعة :-

أ- إنتاج سلالات نباتين مقاومة لبعض الأمراض

ب- نقل الجينات من نباتات بقولية إلي نباتات محاصيل أخري

٧٣- أمكن بعض الباحثين من زراعة جين اللون الأحمر الياقوتي لعيون حشرة الدروسوفيلا في خلايا مقرر لها ان تكون أعضاء تكاثرية

٧٤- إدخال جين هرمون النمو من فأر كبير لفأرصغير فنمت هذه الفئران لضعف حجمها الطبيعي وورث هذه الصفه

٧٥- كرموسوم X يلي الكروموسوم السابع حجما ولكن يرتب في نهاية الكرموسومات ويحمل رقم ٢٣

٧٦- جين البصمة يقع علي الكروموسوم رقم ٨ ويسمي جين الطب الوقائي

٧٧- جين فصائل الدم يقع علي الكروموسوم رقم ٩

٧٨- جين الأنسولين وجين الهيموجلوبين يقعان علي الكروموسوم رقم ١١

٧٩- جين عمي الألوان وجين الهيموفيليا يقعان علي الكروموسوم X

٨٠- من خلال شفرة أي حيوان منوي نستطيع ان نحدد بدقة كل خصائص وصفات اي إنسان يعيش علي الأرض

٨١- عدد جينات خلية الإنسان من ٦٠ : ٨٠ الف جين ويطلق عليهم الجينوم البشري

٨٢- تتابعات علي جزئ DNA يمثل أحد مواقع التعرف لإنزيم القصر :-

أ- GAATTC

ب- AAGCTT

٨٣- الجين لولب مزدوج

قوانين حل مسائل RNA وتخليق البروتين

عدد نيوكليوتيدات DNA ← ÷ ٢ ← عدد نيوكليوتيدات mRNA ← ÷ ٣ ← عدد كودونات mRNA ← -١ ← عدد الأحماض الأمينية

(عدد نيوكليوتيدات DNA ÷ ٦ ← عدد كودونات mRNA)

عدد الأحماض الأمينية ← + ١ ← عدد كودونات mRNA ← × ٣ ← عدد نيوكليوتيدات mRNA ← ×٢ ← عدد نيوكليوتيدات DNA

(عدد كودونات mRNA ×٦ ← عدد نيوكليوتيدات DNA)

- عدد النيوكليوتيدات (عدد القواعد النيتروجينية) على mRNA
= عدد نيوكليوتيدات جزئ (DNA) ÷ ٢= عدد نيوكليوتيدات أحد شريطي الجين (DNA)
= عدد الكودونات علي mRNA × ٣

- عدد النيوكليوتيدات (عدد القواعد النيتروجينية) للجين (DNA) = عدد نيوكليوتيدات mRNA × ٢

- عدد الكودونات على mRNA = عدد النيوكليوتيدات ÷ ٣
= عدد الأحماض الأمينية +١ (كودون الوقف)

- عدد الأحماض الأمينية في عديد الببتيد = عدد كودونات mRNA - ١(كودون الوقف)

- عدد جزيئات tRNA = عدد الأحماض الأمينية = عدد الكودونات كلها ماعدا كودون الوقف

- عدد أنواع tRNA = عدد أنواع الأحماض الأمينية = عدد الكودونات (ماعدا المكرر وكودون الوقف)

- أقل عدد من جزيئات tRNA يلزم لبناء عديد ببتيد = عدد أنواع الأحماض الأمينية وليس عدد الأحماض الأمينية

- عدد الشفرات الوراثية على DNA = عدد الكودونات علي mRNA
= عدد جزيئات tRNA (أو عدد مضاد الكودون) +١

- عدد الشفرات الوراثية = $٤^٣$ = ٦٤
- عدد جزيئة tRNA = ٦١ نوع لعدم وجود tRNA يحمل مضادات كودون لكودون الوقف
- عدد كودونات الوقف = ٣
- عدد الروابط الببتيدية = عدد الأحماض الأمينية ١-
- عدد الأحماض الامينية = عدد الروابط الببتيدية +١

- عدد لفات الجين = عدد نيوكليوتيدات شريط واحد ÷ ١٠
او = عدد نيوكليوتيدات mRNA ÷١٠
او = عدد نيوكليوتيدات الشريطين ÷ ٢٠

- كودون الوقف
  - يُحسب في : عدد الكودونات , عدد النيوكليوتيدات
  - لا يُحسب في : عدد tRNA , عدد الأحماض الأمينية